

FIGURE 1

ATGGGTTCCATGCGTCTATT 20
M G S M R L L

----- prx9+ ----->
 AGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTATGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCA 80
V V A L L C A F A M H A G F S V S Y A Q 1
 signal sequence

GCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGT 140
 L T P T F Y R E T C P N L F P I V F G V 21

----- prx12+ ----->
 AATCTTCGATGCTTCTTTTACCGATCCCCGAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTT 200
 I F D A S F T D P R I G A S L M R L H F 41
 active site

I <-----
 TCATGATTGCTTTGTTCAAG GTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATAACAAT 260
H D C F V Q G C D G S V L L N N T D T I 61

--prx10- --- ----- prx2+ ----->
 AGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAA 320
 E S E Q D A L P N I N S I R G L D V V N 81

TGACATCAAGACAGCGGTGGAATAAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATTCT 380
 D I K T A V E N S C P D T V S C A D I L 101

II
 TGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTG GGAGGAGGTCCAGGATGGCCAGTTCATT 440
 A I A A E I A S V L G G G P G W P V P L 121

AGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCTTGCAAATCAAACCTTCCAGCACC 500
 G R R D S L T A N R T L A N Q N L P A P 141

TTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCTTTGCTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGA 560
 F F N L T Q L K A S F A V Q G L N T L D 161

III
 TTTAGTTACACTCTCAG GTGGTCATACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAA 620
L V T L S G G H T F G R A R C S T F I N 181
 heme-binding domain

CCGATTATACAACCTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTT 680
 R L Y N F S N T G N P D P T L N T T Y L 201

AGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGA 740
 E V L R A R C P Q N A T G D N L T N L D 221

CCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGG 800
 L S T P D Q F D N R Y Y S N L L Q L N G 241

CTTACTTCAGAGTGACCAAGAAGCTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGT 860
 L L Q S D Q E L F S T P G A D T I P I V 261

<----- prx6- -----
 CAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAA 920
 N S F S S N Q N T F F S N F R V S M I K 281

AATGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTT 980
 M G N I G V L T G D E G E I R L Q C N F 301

TGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTAGCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCT 1040
 V N G D S F G L A S V A S K D A K Q K L 321

TGTGCTCAATCTAAATAAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAA 1100
 V A Q S K * 326

FIGURE 1

AGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTG 1160
TGCATGTCAATTCGATTTTGCCATGTACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAAT 1220
CTCTTTAAGGTACTTAATTAATC (A) n

FIGURE 2

1 GCATCATATCATAAACAATACGTACGTGATATTATCTAGTGTCTCTCAGTTTACTTTTATG
 61 AGAAATTATTTTCTTTTAAAAAAGTTAATTAATAAAACATTTGCGATACCGTGAGTTA
 121 CAAGAAATCCGCCGAATTCATCTCTATAAATAAAGGATCTATATGAGAGGTAAAATCAT
 181 ATTAACCTCAAAATGGGTTCCATGCGTCTATTAGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTA
 241 TGCATGCAGGTTTTTTCAGTCTCTTATGCTCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACAT
 301 GTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTTACCGATCCCC
 361 GAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGTACGTACTT
 421 TTTTTCCTTCCAAAATGCCCTGCATATTTAACAAGATTGCTTTGTTTCACTAGAAAA
 481 ATGTGTTTTTTTCAACGATCTTACGTACGTTTGTGTTGGTTTGAATAAATCAGAAAA
 541 GATCAAGAAAAATAGCTAGAAAGAAAGCAACGTTTTTTTAAAGGTATTTAGTGTGAGAAA
 601 AATATTTAAACTGAAGAGAAAGAAATTAATAAGCTTTTCTTGAATGATATTTACATGTC
 661 TTATTAACCTTAAAGTCACCTTTTTTCTTTAAGTTGTGCTTGAAGAAAAAGATGCTTTTC
 721 AGTTTAGTTTTGATTAATGCTAATTATATTTTAAATTAATTAATACTATATATCTA
 781 TTTACCATATTAATTATTACTATATTTTCATGATGACAACAGACAAGTATTCTAAAGAGGT
 841 ATCGGTAGATGATTAATTTTTTATAAAAAATCTTTTGCCTGTATAGATATTCTTTTAT
 901 AATTGGTGCAGAACTTGTAATGCTAATTGCAATTAATCTTACATTGATTAACATAAGC
 961 TATAATCAATATTTAGGTTAGGTATAGGAGACAAATCAAGTGATCTGAACAAATTAAGTT
 1021 GTTATATTTGCATTGTGACAGGGTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACA
 1081 ATAGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTC
 1141 AATGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATT
 1201 CTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTGGTAATTAATAACTCCTAATTAATCCC
 1261 AACCATTAAGTTGTCATGATTGGATTCAAAATCTATGGTATTGGGGTTCTGATATAA
 1321 ATTTGTAATTAATTTGCACTAAAAAAATATCATATACTTTTAAATAAAAAAATTTATC
 1381 TAATTTAATTTATTATTAATAACTATTTTTTAAATTCATCCTAATCTTTTAAATCGGA
 1441 GCATGTAAGCTGGCACCCACCGTATATCGTTGGAAGATGCTATAAAACCATTTAATTAAT
 1501 GGATGGAATCAGTCAAAACATTTAATTAATAACTCTTAATTGTGATTAGTAATCATGT
 1561 TCGGGCAAGTTACGTTGTGTATAATTAATTTGACTTAATCAGATAAAAAACAAATGGAC
 1621 GCAAGCCGGTTGGTATAGATATCACTGGCCTGTAGAATATGTGGTTTTTACGTTTAAAT
 1681 AAAAGCTAGCTACTATATTTATTTAGTCTTTTTTTTCTTAAACCATTTAAGTGATT
 1741 TATTGACTGTGAAACATGTTTCCACACACAGGCTTAGAACTCCTCGCAACTAACATCTC
 1801 CAAAATTTGACTATTTATTTATGAAGATAATTCATCTATGATGTTCAACTCTATTATATA
 1861 TATGTATCATCGCAGTATTAAGAATTATAATAGTCAAATATAGAAGTATATCGGGTAAAT
 1921 GTAGTTGCATGTGCGACCTGTTTCGTGTAAATGCTTATTCTATATAGCTTTTTTATGT
 1981 GAAAATAACGATGAACATAAAACGAAAGGGTATCATATAGTTTGACTTTTATGTTAGAGA
 2041 GAGACATCTTAATTTGGTTCATATGTTTAAATTAATTAATTAATGCATACACAAATTTTA
 2101 TGCCATATCTAAAAAATGATAAAATATCATAGGTATACTCAACTATATGATATCCCCATA
 2161 ACAGAAATTTGACTTTTCTTCAGGCAATGAACCTTAACATTTCTGTTTGCTAAAAACAAAC
 2221 ATCCACTTAAAGTGGTTCAACATATTTATGTAATAATTTACAGGGAGGAGGTCCAGGATG
 2281 GCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCTTGCAATCAAAA
 2341 CCTTCCAGCACCTTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCT
 2401 CAACACCCTTGATTTAGTTACACTCTCAGGTATACATAATCAATTTTTTATTTGCTATTA
 2461 GCTAGCAATAAAAAGTCTCTGATACAGACATATTTAGATAAATTAATTTCTCCATAAACA
 2521 TTTATAATAAAATTTATCAATTTATGTACTTAAAAATTATGGATTGAAGCTTTTTCTATCC
 2581 AACTTTTACTAAAGTTAAGGTGCATATAATATAAAATAAACTATCTTGTGTTCTTATAA
 2641 AAAGATTGAAGATAAGTTAAAGTCTACTTATAAATCATTAATATATGTATAGGTGGTCA
 2701 ACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAACCGATTATACAACCTTCAGCAACACT
 2761 GGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCC
 2821 CAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGAC
 2881 AACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAAGTT
 2941 TTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTTCCATTGTCAATAGCTTCAGCAGTAACCGAAT
 3001 ACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAATGGGTAATATTGGAGTGCTGACT
 3061 GGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTTTGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTA
 3121 GCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTGCTCAATCTAAATAAACCAAT
 3181 AATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTT
 3241 TGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAGGAGTAGTGTGCATGTCAATTCGATTTTGCCATG
 3301 TACCTCTTGAATATTATGTAATAATTATTTGAATCTCTTTAAGGTACTTAATTAATCA

FIGURE 3A

L78163	-----ATGGGTTCCATGCGT-CTATTAGTAGTGGCATTGTTG	36
U41657	-----	0
X90693	G----GCAAA-CAATGAACTCCCTTCGTGCTGTAGCAATAG-CTTTGTGC	44
X90694	GCTCTTCAAAACAATGAACTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	40
L36156	-----CTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	22
X90692	-----AATGCTTGGT-----CTAAGTGCAACAGCTTTTTGTGTATGG	38
L78163	TGT-----GCATTT-GCTATGCATGCAGGTTTTTTCAGT---CTCTTATGC	77
U41657	-----	0
X90693	TGTATTGTG-----GTTGTGCTTGGAGGGTTACCCCTTCTCTTCAAATGC	88
X90694	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCCTTTTCTCAGATGC	90
L36156	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCCTTTTCTCAGATGC	72
X90692	TGT-TTGTGCTAAT-----TGGAGGAGTACCCCTTTT---CAAATGC	75
L78163	TCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTA	127
U41657	-----	0
X90693	GCAACTTGATCCATCCTTTTACAGGAACACTGTCCAAATGTTAGTTCCA	138
X90694	ACAACCTTAGTCCCACTTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	140
L36156	ACAACCTTAGTCCCACTTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	122
X90692	ACAACCTAGATCCTTCATTTTACAACAGTACATGTTCTAATCTTGATTCAA	125
L78163	TTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCCGAATCGGG	177
U41657	-----	0
X90693	TTGTTTCGTGAAGTCATAAGGAGTGTCTTAAGAAAGATCCTCGTATGCTT	188
X90694	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	190
L36156	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	172
X90692	TCGTACGTGGTGTGCTCACAATGTTTCACAATCTGATCCCAAGATGCTT	175
L78163	GCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTTGTTCAAGGTTGTGA	227
U41657	-----TTTCATGATTGCTTTTGTTCAAGGTTGTGA	29
X90693	GCTAGTCTTGTGTCAGGCTTCACCTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGTGA	238
X90694	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACCTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	240
L36156	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACCTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	222
X90692	GGTAGTCTCATCAGGCTACATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGCGA	225
L78163	TGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	277
U41657	TGGATCAGTTTTACTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	79
X90693	TGCATCAGTTTTACTAAACAAACTGATACCGTTGTGAGTGAACAAGATG	288
X90694	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	290
L36156	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	272
X90692	TGCCTCGATTTTGCTGAACGATACGGCTACAATAGTGAGCGAGCAAGTG	275
L78163	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	327
U41657	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	129
X90693	CTTTTCCAAACAGAAACTCATTAAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAAATC	338
X90694	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	340
L36156	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGGGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	322
X90692	CACCACCAATAACAACCTCCATAAGAGGTTTGGATGTGATAAACCAGATC	325
L78163	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	377
U41657	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	179
X90693	AAAACAGCTGTGGAAAAGGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	388
X90694	AAACTGGCTGTAGAAGTGCCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	390
L36156	AAACTGCTGTAGAAGTGCCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	372
X90692	AAAACAGCGGTGGAAAATGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	375
L78163	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTT-CTGGGAGGAGGTCCAGGA	426
U41657	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTGCTGGGAGGAGGTC-AGGA	228
X90693	TCTTGCTCTTTCTGCTGAATTATCATCTACA-CTGGCAGATGGTCCTGAC	437
X90694	TCTTGCACTTGTGCTCAAGCATCTCTGTT-CTGGCACAAAGTCCCTAGT	439
L36156	TCTTGCACTTGTGCT---CAAGCATCTCTGTT-CTGGCACAAAGTCCCTAGT	418
X90692	TCTTGCTCTTTCTGCTGAATATCATCTGAT-CTGGCAAATGGTCCTACT	424

FIGURE 3A

L78163	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCTT	476
U41657	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCTT	278
X90693	TGGAAGGTTCCTTTAGGAAGAAGAGATGGTTTAAACGGCAAACCAAGTTACT	487
X90694	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAAACCGCAAACCGAACACT	489
L36156	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAAACCGCAAACCGAACACT	468
X90692	TGGCAAGTTCCATTAGGAAGAAGGGATAGTTTGACAGCAAATAATTCCCT	474
	*** .*****.*****.*** * **.*.***** ... **	
L78163	TGCAAATCAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	523
U41657	TGCAAATCAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	325
X90693	TGCTAATCAAATCTTCCAGCTCC---TTTCAATACTACTGATCAACTTA	534
X90694	TGCAAATCAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCAACTTA	536
L36156	TGCAAATCAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCACCTTA	515
X90692	TGCAGCTCAAATCTTCCCTGCCCCCACTTTCAA--CCTTA-CTCGACTAA	521
	..** *****.***** ***** * ..**.*.***	
L78163	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	572
U41657	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	374
X90693	AAGCTGCATTG-CTGCTCAAGGTCTCGATACTACTGATCTGGTTGCACT	583
X90694	AAGCTGCATTT-ACTGCTCAAGGCTCAATACTACTGATCTAGTTGCACT	585
L36156	AA-CTGCATTTGACTGCTCAAGGCTCATTA-CTCCTGTTCTAGTTGCCCT	564
X90692	AATCTAACTTTGA-TAATCAAACCTCAGTACTACTGATCTAGTTGCACT	570
	** **.. *** *.****..***..** **.*.*.***.* **	
L78163	CTCAGGTGGTCATACGTTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAAAACC	622
U41657	CTCAGGTGGTCATACGTCGTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAAAACC	424
X90693	CTCCGGTGCTCATA-CATTGGAAGAGCTCATTGCTCTTTATTGTTAGCC	633
X90694	CTCCGGTGCTCATA-CATTGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	635
L36156	CTCCGGTGCTCATA-CATTGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	614
X90692	CTCAGGTGGCCATACAAATTGGAAGAGGTCAATGCAGATTTTTCGTTGATC	620
	*** **** *****..***** **..***.**.*.*** *	
L78163	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCA-CT-GGAACACA	672
U41657	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAA--CTGATCCA-CT-TGGACACA	468
X90693	GATTGTACAACTTCAGCGGTACGGGAAGTCCCGATCCA-CT-TTAACACA	683
X90694	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCA-CT-TTAACACA	685
L36156	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCA-CT-TTAACACA	664
X90692	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCGATTCA-CT-TTAACACG	670
	****.***** *****..***.*** * **** ** ** *..****.	
L78163	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGGA	722
U41657	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGGA	518
X90693	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	733
X90694	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	735
L36156	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	714
X90692	ACCTATTTACAACAATTGCAAGCAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGTAC	720
	* ** ** ** ** * ****.*** ** ** *..*** ** *	

FIGURE 3A

[illegible]

FIGURE 3A

L78163	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAA	1107
U41657	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCGATGCTAGCTACGATGTAAAGGCAAA	900
X90693	-----CTCAATGTAAA-TG-TAG	1082
X90694	TAATATAAATAAATTAG-----CGTAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1124
L36156	TAATATAAATAAATTAG-----CGAAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1094
X90692	CATTCTAAAT--ATAAG-----CTTGGAATATTGAAGAGGTTCTAT	1090
*	
L78163	TTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	1157
U41657	TTAGGTTG-AAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	949
X90693	T--GATTGGAAGCAACTAA--TAAATTAAGAAGCTATAAC-----T	1119
X90694	T--GACTAGATGCCACTAA--TAAAT----AAGTTATAAC-----T	1157
L36156	T--GACTAGATCCCACTAA--TAAAT----AAGTTATAAC-----T	1127
X90692	A--ATTTTGTGCATACATA--TATGGTATGTG-----	1118
	. . . * . . . * . . . * . . .	
L78163	GTGTGCATGTCAATTTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATAT-----	1200
U41657	GTGTGCGATGTCAATTTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATATTATGTA	998
X90693	ATGCACATT-CATGGTATGTGTGAGATAGTTATTAGATGCTTTGTGAGCA	1168
X90694	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATTTTCATGCCT-GTATATGAG-----	1200
L36156	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATCCTATGCCTTGTATATTAGAGGACG	1177
X90692	-----CATGTGGTGTA--TTATGTTTTTGTATGTTCTTCAAGTTGATCA	1161
	** * *	
L78163	-----	1200
U41657	ATAATTATTTGAATCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	1031
X90693	AAAATCTTTTGGATTTC---ATTGGAAGTGTTTCT---	1200
X90694	-----	1200
L36156	TGT-TCTT-----C-----TTGGTATTATACTA--T	1200
X90692	GGA-CTGTAGAAGCTCCCTAATAATATTGTGTCAAAGT	1200

FIGURE 3B

L78163	MGSMRLLVVALLCAFAMHAGFSVSY---AQLTPTFYRETCPNLFPIVFGV	47
U41657	-----	0
X90693	MNSLRAVAIALCCIV--VVLGGLPFSSNAQLDPSFYRNTCPNVSSIVREV	48
X90694	MNSL---ATSMWCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	47
L36156	M-----WCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	40
X90692	MLGLSATA---FCCMVFVLIGGVPPFS-NAQLDPSFYNSTCSNLDIVRGV	46
L78163	IFDASFTDPRIGASLMRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI	97
U41657	-----FHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI	31
X90693	IRSVSKKDPRLASLVRLHFHDCFVQGCDSVLLNKTDTVVSEQDAFPNR	98
X90694	LTVNSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVVGCDASVLLNNTATIVSEQQAFPNN	97
L36156	LTVNSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVVGCDASVLLNNTATIVSEQQAFPNN	90
X90692	LTVNSQSDPRMLGSLIRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQSAPPNN	96
	***** ***.****.*** ** *	
L78163	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILATAAEIASVLGGGPGWPVPL	147
U41657	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILATAAEIASVAGRRSGWPVPL	81
X90693	NSLRGLDVVNQIKTAVEKACPNTVSCADILALSSELSTLADGPDWKVPL	148
X90694	NSLRGLDVVNQIKLAVEVPCPNTVSCADILALAAQASSVLAQGPSWTVPL	147
L36156	NSLRGLDVVNQIKTAVESACPNTVSCADILALA-QASSVLAQGPSWTVPL	139
X90692	NSIRGLDVINQIKTAVENACPNTVSCADILALSSELSSDLANGPTWQVPL	146
	..***.*** ** *..*****..* ..* ** *	
L78163	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNLTLQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTF	197
U41657	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNLTLQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTS	131
X90693	GRRDGLTANQLLANQNLPAPFNTDQLKAAFAAQGLDTTDLVALSGAHTF	198
X90694	GRRDGLTANRTLANQNLPAPFNSLDQLKAAFTAQGLNTDLDLVALSGAHTF	197
L36156	GRRDGLTANRTLANQNLPAPFNSLDHLKLHLTAQGLITPVLVALSGAHTF	189
X90692	GRRDSL TANNSLAAQNLPAPFTNLRLKSNFDNQNLSSTDLDLVALSGHTI	196
	****.*****.***.***** ..** *..* ** * **..*****	
L78163	GRARCSTFINRLYNFSNTGNPDPTLNTTYLEVLRARCPQNATGDNLTNLD	247
U41657	GRARCSTFINRLYNFSNTGLIH--LDTTYLEVLRARCPQNATGDNLTNLD	179
X90693	GRAHCSLFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	248
X90694	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	247
L36156	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	239
X90692	GRGQCRFFVDRLYNFSNTGNPDSTLNTTYLQTLQAI CPNGGPGTNLTDL	246
	..* *..***.*** ..*****.*** **..*..*****.***	
L78163	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQELFSTPGADTIPIVNSFSSNQNTF	297
U41657	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQERFSTPGADTIPLSIA-SANQNTF	228
X90693	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGSDTISIVNKFATDQKAF	298
X90694	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVNKFSTDQNAF	297
L36156	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVDKFSTDQNAF	289
X90692	PTTPDTFDSNYYSNLQVKGGLFQSDQELFSRNGSDTISIVNSFANNQTLF	296
	..*** **..***** ..***** ** *..***** ..*..* ..*	
L78163	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	341
U41657	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	272
X90693	FESFRAAMIKMGNIGVLTGNQGEIRKQCNFVN---SKSAELGLINVAS-A	344
X90694	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKGGEIRKQCNFVN---SNSAELDLATIASIV	347
L36156	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKGGEIRKQCNFVN---SNSAELDLATIASIV	336
X90692	FENFVASMIMKGNIGVLTGSQGEIRTQCNFVN---GNSSGLATVVT-K	340
*****.***** ** *..*..* ..*	
L78163	DAKQKLVAQSK	352
U41657	DAKQKLVAQSK	283
X90693	DSSEEGMVSSM	355
X90694	ESLEDGIASVI	358
L36156	ESLEDGIASVI	347
X90692	ESSEDGMASF	351
	..*..* ..*	

FIGURE 4

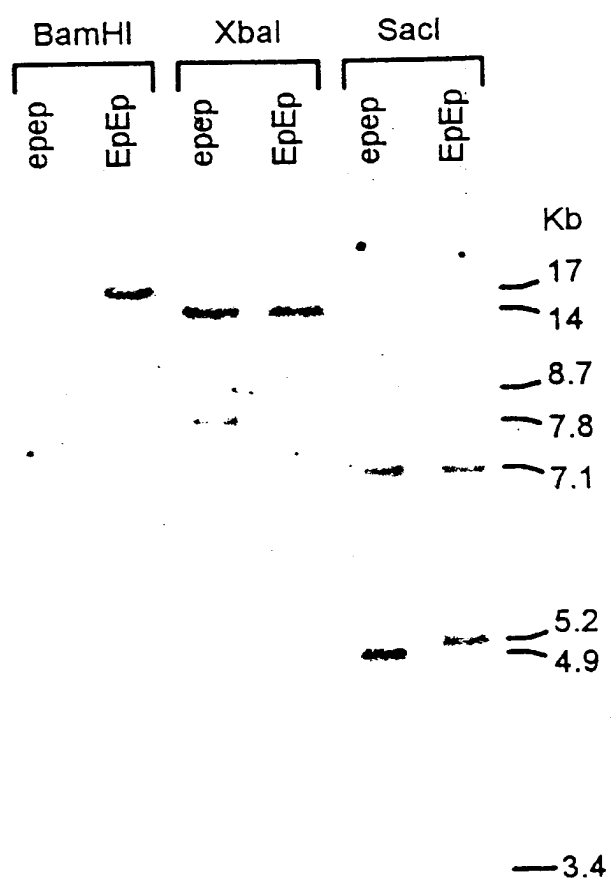


FIGURE 5

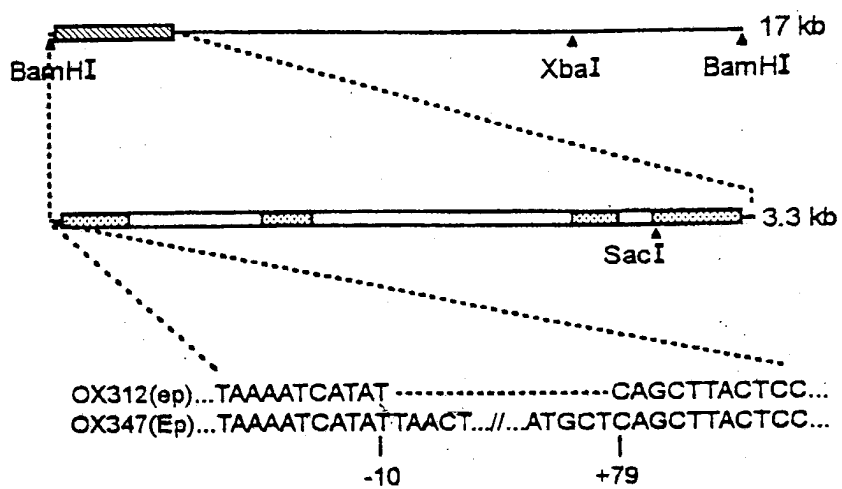


FIGURE 6

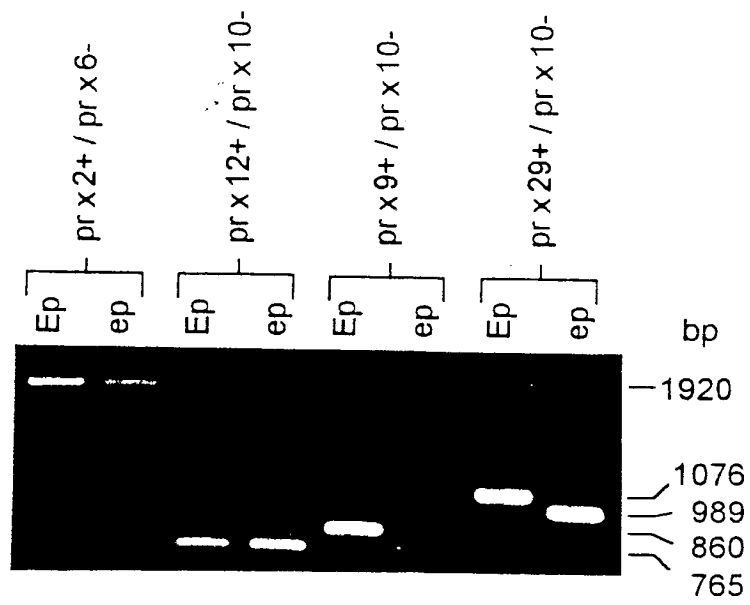


FIGURE 7

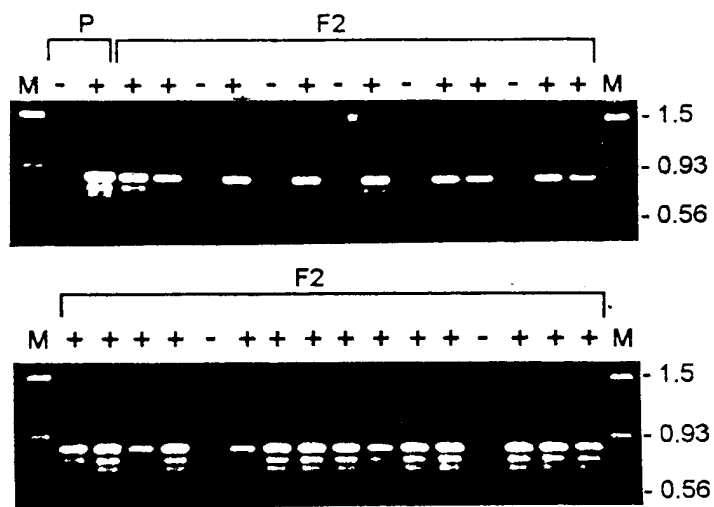


FIGURE 8

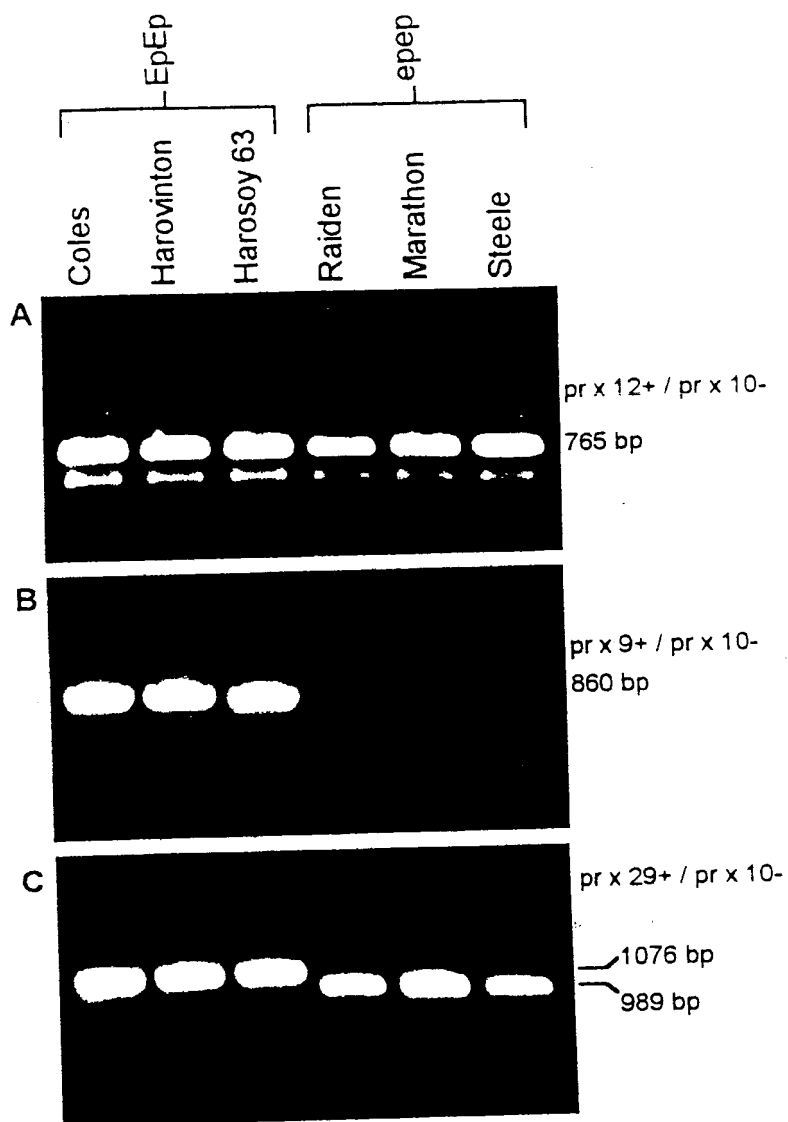
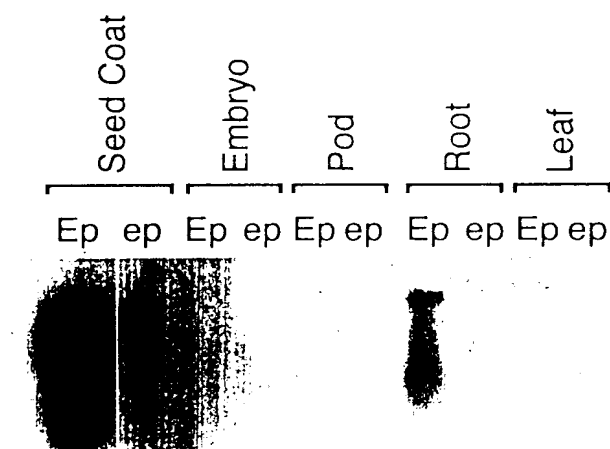


FIGURE 9

A



B

